

氏名	NGUYEN SAO MAI
授与した学位	博士
専攻分野の名称	農学
学位授与番号	博甲第 6515 号
学位授与の日付	2021年 9月 24日
学位授与の要件	環境生命科学研究科 農生命科学専攻 (学位規則第4条第1項該当)
学位論文の題目	Identification and validation of salt-tolerant QTLs relating to grain yield and yield components using IR64 CSSLs in the genetic background of Koshihikari and their backcross progenies (コシヒカリを遺伝背景とした IR64 染色体断片置換系統とその戻し交配後代を用いた収量および収量構成要素に関わる耐塩性 QTL の同定と検証)
論文審査委員	教授 豊田 和弘 教授 平井 儀彦 教授 齊藤 邦行
学位論文内容の要旨	
<p>Salt stress is one of the major abiotic stresses limiting rice production worldwide. Since the expansion of the saline soil continues, there is a need to develop salt-tolerant rice varieties with high yields to ensure food security. Detecting quantitative trait loci (QTLs) for salt tolerance contributes greatly to breeding; however, limited studies have reported on the reproductive stage due to time-consuming and laborious processes. This study aimed to investigate physiological mechanisms and identify as well as validate QTLs associated with grain yield and yield components under salt stress conditions using chromosome segment substitution lines (CSSLs) derived from IR64 and Koshihikari and their backcross progeny populations.</p> <p>In the first chapter, among 42 CSSLs, SL2007 and SL2038 consistently showed higher panicle weight than did Koshihikari under the salt stress condition. Later investigation found that these CSSLs produced higher grain yield and yield components, which could be attributed to low Na⁺ and Cl⁻ accumulations in the whole plant at the heading stage.</p> <p>In the second chapter, QTL analysis on a SL2007/Koshihikari F₂ population detected two QTLs for grain yield and panicle weight (<i>qSTGY2.1</i> and <i>qSTPW2.1</i>) on the short arm of chromosome 2 and four QTLs for plant dry weight, panicle number, panicle weight, and grain yield (<i>qSTDW2</i>, <i>qSTPN2</i>, <i>qSTPW2.2</i>, and <i>qSTGY2.2</i>) on the long arm of chromosome 2. Through comparing NILs derived from a SL2007/Koshihikari F₅ populations, the region of two co-localized QTLs, <i>qSTGY2.2</i> and <i>qSTPW2.2</i>, was delimited to a 2.5 Mb region and novel <i>qSTPN2</i> to a 0.6 Mb region. Moreover, a newly-detected QTL (<i>qSTGF2</i>) for grain filling, a key contributor for grain yield of SL2007, was confirmed to a 2.3 Mb region.</p> <p>In the third chapter, we analyzed pollen characteristics and measured the panicle weight of two NILs selected regarding the <i>qSTGF2</i> region. NIL1 showed higher pollen germination percentage on media but no difference in grain weight than NIL2 under salt stress which might be due to the adverse effect of high temperature during the flowering period. Therefore, the <i>qSTGF2</i> region was still confined to the 2.3 Mb region, and the QTL was considered to be associated with pollen germination under salt stress.</p> <p>In the fourth chapter, Single-marker analysis on a SL2007/Koshihikari F₇ population suggested the <i>qSTPN2</i> region significantly associated with 12 markers. In combination with the validation outcome in the second chapter, this result suggested the constant presence of the QTL in a 0.18 Mb region.</p> <p>Taken together, our results suggested that accumulation of low Na⁺ and Cl⁻ content in the whole plant at the full heading stage could play an important role in maintaining grain yield and yield components in salt tolerance of SL2007 and SL2038. Moreover, novel QTLs for grain filling (<i>qSTGF2</i>) and panicle number (<i>qSTPN2</i>) provide valuable materials for breeding salt-tolerance rice varieties with high grain yield and further studies on the genetic and regulatory mechanisms underlying salt tolerance.</p>	

論文審査結果の要旨

塩ストレスは、世界の米生産を制限する主要な環境ストレスの一つであり、イネの耐塩性の向上が求められている。しかし、収量形質に関わる耐塩性の生理的および遺伝的知見は限られている。本研究は、塩感受性品種コシヒカリの遺伝背景にIR64の染色体断片が置換された染色体断片置換系統（CSSL）とその戻し交配後代を用いて、塩条件下での収量形質に関連する生理的要因を検討するとともに、耐塩性に関わるQTLを同定することを目的に行ったものである。

はじめに、42系統のCSSLを塩条件下で成熟期まで栽培したところ、SL2007とSL2038はコシヒカリよりも収量が高いことが認められ、それらの系統では、穂揃い期の植物体のNa⁺およびCl⁻含有率が低いことが明らかになった。そこで、SL2007とコシヒカリを交配して得られたF₂集団を用いて塩条件下で栽培し、QTL解析を行ったところ、第2染色体の短腕に穂重と収量に関する2つのQTL（それぞれqSTPW2.1, qSTGY2.1）、第2染色体の長腕に個体乾物重、穂数、穂重および収量に関する4つのQTL（それぞれqSTDW2, qSTPN2, qSTPW2.2, qSTGY2.2）が検出された。また、その後代の系統を用いて耐塩性を比較した結果、qSTPN2は約0.18Mbの領域に、登熟歩合に関わるQTL（qSTGF2）が約2.3Mbの領域に絞り込まれた。さらに、qSTGF2に関して選抜された系統の開花期の花粉特性を解析したところ、このQTLは花粉の発芽に関わる耐塩性と関係すると考えられた。

以上の知見は、イネの収量形質に関連した耐塩性の生理的特性を示すとともに、穂数と登熟歩合に関する2つの新規の耐塩性QTLを特定したものであり、今後の耐塩性品種の育種に資するものと期待され、高く評価される。よって、博士（農学）の学位を授与するにふさわしいと判断された。